

FIGURE 1A

L L E Y T Q A T E S N L Q Y S L L V L	223
CTC TTG GAG TAT ACC CAG GCA ACA GAG TCT AAC CTG CAG TAC AGC TTG TTA GTG CTG	784
G L L L T E I V R S W S L A L T W A L N	243
GGC CTC CTC CTG ACG GAA ATC GTG CGG TCT TGG TCG CTT GCA CTG ACT TGG GCA TTG AAT	844
Y R T G V R L R G A I L T M A A F K K I L	263
TAC CGA ACC GGT GTC CGC TTG CGG GGG GCC ATC CTA ACC ATG GCA TTT AAG AAG ATC CTT	904
K L K N I K E K S L G E L I N I C S N D	283
AAG TTA AAG AAC ATT AAA GAG AAA TCC CTG GGT GAG CTC ATC AAC ATT TGC TCC AAC GAT	964
G Q R M F E A A A V G S L L A G G P V V	303
GGG CAG AGA ATG TTT GAG GCA GCA GCC GTT GGC AGC CTG CTG GCT GGA GGA CCC GTT GTT	1024
A I L G M I Y N V I I L G P T G F L G S	323
GCC ATC TTA GGC ATG ATT TAT AAT GTA ATT ATT CTG GGA CCA ACA GGC TTC CTG GGA TCA	1084
A V F I L F Y P A M M F A S R L T A Y F	343
GCT GTT TTT ATC CTC TTT TAC CCA GCA ATG ATG TTT GCA TCA CGG CTC ACA GCA TAT TTC	1144
R R K C V A A T D E R V Q K M N E V L T	363
AGG AGA AAA TGC GTG GCC GCC ACG GAT GAA CGT GTC CAG AAG ATG AAT GAA GTT CTT ACT	1204
Y I K F I K M Y A W V K A F S Q S V Q K	383
TAC ATT AAA TTT ATC AAA ATG TAT GCC TGG GTC AAA GCA TTT TCT CAG AGT GTT CAG AAA	1264
I R E E E R R I L E K A G Y F Q S I T V	403
ATC CGC GAG GAG GAG CGT CGG ATA TTG GAA AAA GCC GGG TAC TTC CAG AGC ATC ACT GTG	1324
G V A A P I V V V I A S V V T F S V H M T	423
GGT GTG GCT CCC ATT GTG GTG GTG ATT GCC AGC GTG GTG ACC TTC TCT GTT CAT ATG ACC	1384

FIGURE 1B

L G F D L T A A Q A F T V V T V F N S M	443
CTG GGC TTC GAT CTG ACA GCA CAG GCT TTC ACA GTG GTG ACA GTC TTC AAT TCC ATG	1444
T F A L K V T P F S V K S L S E A S V A	463
ACT TTT GCT TTG AAA GTA ACA CCG TTT TCA GTA AAG TCC CTC TCA GAA GCC TCA GTG GCT	1504
V D R F K S L F L M E E V H M I K N K P	483
GTT GAC AGA TTT AAG AGT TTG TTT CTA ATG GAA GAG GTT CAC ATG ATA AAG AAC AAA CCA	1564
A S P H I K I E M K N A T L A W D S S H	503
GCC AGT CCT CAC ATC AAG ATA GAG ATG AAA AAT GCC ACC TTG GCA TGG GAC TCC TCC CAC	1624
S S I Q N S P K L T P K M K K D K R A S	523
TCC AGT ATC CAG AAC TCG CCC AAG CTG ACC CCC AAA ATG AAA AAG AAC AGG GCT TCC	1684
R G K K E K V R Q L Q R T E H Q A V L A	543
AGG GGC AAG AAA GAG AAG GTG AAG CAG CTG CAG CGC ACT GAG CAT CAG GCG GTG CTG GCA	1744
E Q K G H L L L D S D E R P S P E E E E	563
GAG CAG AAA GGC CAC CTC CTC CTG GAC AGT GAC GAG CGG CCC AGT CCC GAA GAG GAA GAA	1804
G K H I H L G H L R L Q R T L H S I D L	583
GGC AAG CAC ATC CAC CTG GGC CAC CTG CGC TTA CAG AGG ACA CTG CAC AGC ATC GAT CTG	1864
E I Q E G K L V G I C G S V G S G K T S	603
GAG ATC CAA GAG GGT AAA CTG GTT GGA ATC TGC GGC AGT GTG GGA AGT GGA AAA ACC TCT	1924
L I S A I L G Q M T L L E G S I A I S G	623
CTC ATT TCA GCC ATT TTA GGC CAG ATG ACG CTT CTA GAG GGC AGC ATT GCA ATC AGT GGA	1984
T F A Y V A Q Q A W I L N A T L R D N I	643
ACC TTC GCT TAT GTG GCC CAG CAG GCC TGG ATC CTC AAT GCT ACT CTG AGA GAC AAC ATC	2044

L F G K E Y D E E R Y N S V L N S C C L	663
CTG TTT GGG AAG GAA TAT GAT GAA GAA AGA TAC AAC TCT GTG CTG AAC AGC TGC TGC CTG	2104
R P D L A I L P S S D L T E I G E R G A	683
AGG CCT GAC CTG GCC ATT CTT CCC AGC AGC GAC CTG ACG GAG ATT GGA GAG CGA GGA GCC	2164
N L S G G Q R Q R I S L A R A L Y S D R	703
AAC CTG AGC GGT GGG CAG CGC CAG AGG ATC AGC CTT GCC CGG GCC TTG TAT AGT GAC AGG	2224
S I Y I L D D P L S A L D A H V G N H I	723
AGC ATC TAC ATC CTG GAC GAC CCC CTC AGT GCC TTA GAT GCC CAT GTG GGC AAC CAC ATC	2284
F N S A I R K H L K S K T V L F V T H Q	743
TTC AAT AGT GCT ATC CGG AAA CAT CTC AAG TCC AAG ACA GTT CTG TTT GTT ACC CAC CAG	2344
L Q Y L V D C D E V I F M K E G C I T E	763
TTA CAG TAC CTG GTT GAC TGT GAT GAA GTG ATC TTC ATG AAA GAG GGC TGT ATT ACG GAA	2404
R G T H E E L M N L N G D Y A T I F N N	783
AGA GGC ACC CAT GAG GAA CTG ATG AAT TTA AAT GGT GAC TAT GCT ACC ATT TTT AAT AAC	2464
L L L G E T P P V E I N S K K E T S G S	803
CTG TTG CTG GGA GAG ACA CCG CCA GTT GAG ATC AAT TCA AAA AAG GAA ACC AGT GGT TCA	2524
Q K K S Q D K G P K T G S I K K E K A V	823
CAG AAG AAG TCA CAA GAC AAG GGT CCT AAA ACA GGA TCA ATA AAG AAG GAA AAA GCA GTA	2584
K P E E G Q L V Q L E E K G Q G S V P W	843
AAG CCA GAG GAA GGG CAG CTT GTG CAG CTG GAA GAG AAA GGG CAG GGT TCA GTG CCC TGG	2644
S V Y G V Y I Q A A G G P L A F L V I M	863
TCA GTA TAT GGT GTC TAC ATC CAG GCT GCT GGG GGC CCC TTG GCA TTC CTG GTT ATT ATG	2704
A L F M L N V G S T A F S T W W L S Y W	883
GCC CTT TTC ATG CTG AAT GTA GGC AGC ACC GCC TTC AGC ACC TGG TGG TTG AGT TAC TGG	2764

I K Q G S G N T T V T R G N E T S V S D	903
ATC AAG CAA GGA AGC GGG AAC ACC ACT GTG ACT CGA GGG AAC GAG ACC TCG GTG AGT GAC	2824
S M K D N P H M Q Y Y A S I Y A L S M A	923
AGC ATG AAG GAC AAT CCT CAT ATG CAG TAC TAT GCC AGC ATC TAC GCC CTC TCC ATG GCA	2884
V M L I L K A I R G V V F V K G T L R A	943
GTC ATG CTG ATC CTG AAA GCC ATT CGA GGA GTT GTC TTT GTC AAG GGC ACG CTG CGA GCT	2944
S S R L H D E L F R R I L R S P M K F F	963
TCC TCC CGG CTG CAT GAC GAG CTT TTC CGA AGG ATC CTT CGA AGC CCT ATG AAG TTT TTT	3004
D T T P T G R I L N R F S K D M D E V D	983
GAC ACG ACC CCC ACA GGG AGG AGT CTC AAC AGG TTT TCC AAA GAC ATG GAT GAA GTT GAC	3064
V R L P F Q A E M F I Q N V I L V F F C	1003
GTG CGG CTG CCG TTC CAG GCC GAG ATG TTC ATC CAG AAC GTT ATC CTG GTG TTC TTC TGT	3124
V G M I A G V F P W F L V A V G P L V I	1023
GTG GGA ATG ATC GCA GGA GTC TTC CCG TGG TTC CTT GTG GCA GTG GGG CCC CTT GTC ATC	3184
L F S V L H I V S R V L I R E L K R L D	1043
CTC TTT TCA GTC CTG CAC ATT GTC TCC AGG GTC CTG ATT CGG GAG CTG AAG CGT CTG GAC	3244
N I T Q S P F L S H I T S S I Q G L A T	1063
AAT ATC ACG CAG TCA CCT TTC CTC TCC CAC ATC ACG TCC AGC ATA CAG GGC CTT GCC ACC	3304
I H A Y N K G Q E F L H R Y Q E L L D D	1083
ATC CAC GCC TAC AAT AAA GGG CAG GAG TTT CTG CAC AGA TAC CAG GAG CTG CTG GAT GAC	3364
N Q A P F F L F T C A M R W L A V R L D	1103
AAC CAA GCT CCT TTT TTT TTG TTT ACG TGT GCG ATG CCG TGG CTG GCT GTG CCG CTG GAC	3424

L I S I A L I T T G L M I V L M H G Q	1123
CTC ATC AGC ATC GCC CTC ATC ACC ACC ACG GGG CTG ATG ATC GTT CTT ATG CAC GGG CAG	3484
I P P A Y A G L A I S Y A V Q L T G L F	1143
ATT CCC CCA GCC TAT GCG GGT CTC GCC ATC TCT TAT GCT GTC CAG TTA ACG GGG CTG TTC	3544
Q F T V R L A S E T E A R F T S V E R I	1163
CAG TTT ACG GTC AGA CTG GCA TCT GAG ACA GAA GCT CGA TTC ACC TCG GTG GAG AGG ATC	3604
N H Y I K T L S L E A P A R I K N K A P	1183
AAT CAC TAC ATT AAG ACT CTG TCC TTG GAA GCA CCT GCC AGA ATT AAG AAC AAG GCT CCC	3664
S P D W P Q E G E V T F E N A E M R Y R	1203
TCC CCT GAC TGG CCC CAG GAG GGA GAG GTG ACC TTT GAG AAC GCA GAG ATG AGG TAC CGA	3724
E N L P L V L K K V S F T I K P K E K I	1223
GAA AAC CTC CCT CTC GTC CTA AAG AAA GTA TCC TTC ACG ATC AAA CCT AAA GAG AAG ATT	3784
G I V G R T G S G K S S L G M A L F R L	1243
GGC ATT GTG GGG CGG ACA GGA TCA GGG AAG TCC TCG CTG GGG ATG GCC CTC TTC CGT CTG	3844
V E L S G G C I K I D G V R I S D I G L	1263
GTG GAG TTA TCT GGA GGC TGC ATC AAG ATT GAT GGA GTG AGA ATC AGT GAT ATT GGC CTT	3904
A D L R S K L S I I P Q E P V L F S G T	1283
GCC GAC CTC CGA AGC AAA CTC TCT ATC ATT CCT CAA GAG CCG GTG CTG TTC AGT GGC ACT	3964
V R S N L D P F N Q Y T E D Q I W D A L	1303
GTC AGA TCA AAT TTG GAC CCC TTC AAC CAG TAC ACT GAA GAC CAG ATT TGG GAT GCC CTG	4024
E R T H M K E C I A Q L P L K L E S E V	1323
GAG AGG ACA CAC ATG AAA GAA TGT ATT GCT CAG CTA CCT CTG AAA CTT GAA TCT GAA GTG	4084

M E N G D N F S V G E R Q L L C I A R A	1343
ATG GAG AAT GGG GAT AAC TTC TCA GTG GGG GAA CGG CAG CTC TTG TGC ATA GCT AGA GCC	4144
L L R H C K I L I L D E A T A M D T E	1363
CTG CTC CGC CAC TGT AAG ATT CTG ATT TTA GAT GAA GCC ACA GCT GCC ATG GAC ACA GAG	4204
T D L L I Q E T I R E A F A D C T M L T	1383
ACA GAC TTA TTG ATT CAA GAG ACC ATC CGA GAA GCA TTT GCA GAC TGT ACC ATG CTG ACC	4264
I A H R L H T V L G S D R I M V L A Q G	1403
ATT GCC CAT CGC CTG CAC ACG GTT CTA GGC TCC GAT AGG ATT ATG GTG CTG GCC CAG GGA	4324
Q V V E F D T P S V L L S N D S S R F Y	1423
CAG GTG GTG GAG TTT GAC ACC CCA TCG GTC CTT CTG TCC AAC GAC AGT TCC CGA TTC TAT	4384
A M F A A A E N K V A V K G *	1437
GCC ATG TTT GCT GCT GCA GAG AAC AAG GTC GCT GTC AAG GGC TGA	4429
CTCCTCCCTGTGACGAAGTCTCTTTCTTTAGAGCATTGCCMYKGMTKCCCTGGGGGGGCCCTTCATCGCGTCTC	4508
CTACCGAAACCTTGCCTTCTCGATTTTATCTTTGCGACAGCAGTTCCGATTGGCTTGTGTTTCACTTTAGGAG	4587
AGTCATATTTGATTATTGTATTATTCATATTCAATGAACAATAATTAGTTTTTGTCTTAATTGCACCTAAAG	4666
GTTACGGGAACCGTTATTATAATTGTATCAGAGGCCCTATAATGAAGCTTTATACGTAGCTATATCTATATAATTC	4745
TGTACATAGCCTATATTACAGTGAATAATGAAGCTTTATTATTTATATTAATAAGCACTGTCTAAAAA	4824
AAAAAAAAAAGGGCGCCGC	4847

ALIGN calculates a global alignment of two sequences
 version 2.0>Please cite: Myers and Miller, CABIOS (1989)
 > SwissProt P33527 - MULTIDRUG RESISTANCE-ASSOCIA 1531 aa vs.
 > MRP-H 1437 aa
 scoring matrix: pam120.mat, gap penalties: -12/-4
 30.9% identity; Global alignment score: 1214

```

      10      20      30      40      50      60
inputs MALRGFCSADGSDPLWDNNVTWNTSNPDFTKCFQNTVLVWVPCPYLWACFPFFYFLYLSRH
-----

      70      80      90     100     110     120
inputs DRGYIQMTPLNKTKTALGPLLWIVCWADLFYSFWERSRGIFLAPVFLVSPDLLGITLLA
-----

     130     140     150     160     170
inputs TFLIQLERRKGVQSSGIMLTFWLVALVCALAILRSKIMTALKE-DAQVDLFRDITFYVVF
      : . . . . .
      -----MKDIDIGKEYIIPSPGYRSVRERTST
              10      20

    180     190     200     210     220     230
inputs SLLLIQLVLSCFSDRSPLFSETHDPNCPES-SASFLSRITFWWITGLIVRG-YRQPLE
      : . . . . .
      SGTHRDREDSKFRRTPLLECQDALETAARAEGSLDASMHSQRLRILDEEHPKGYHHGLS
      30      40      50      60      70      80

    240     250     260     270     280     290
inputs G-SDLWSLNKEDTSEQVVPVLV-KNWKKECAKTRKQPVKVYSSKDP-AQPK-ESSKVDA
      . . . . .
      ALKPIRTTCKHQHPVDNAGLFSCMTFSWLSSLARVAHKKGELSMEDVWSLSKHESDVNC
      90     100     110     120     130     140

    300     310     320     330     340
inputs N--EEV--EALIVKSPQKEWNPSLFKVLKTFGPFYFLMSFFFKAIHDLMMFSGPQIL-KL
      : . . . . .
      RRLERLWQEELNEVGPD---AASLRRVVWIFCRTLILSIVCLMITQLAGFSGPAFMVKH
      150     160     170     180     190     200

    350     360     370     380     390     400
inputs LIKFVNDTKAPDWQGYFYTVL-LFVTACLQTLVLHQYFHCIFVSGMRIKTAVIGAVYRKA
      : . . . . .
      LLEYTQAT-ESNLQYSLLLVLGLLLTEIVRSWSLALTWALNYRTGVRLRGAILTMAFKKI
      210     220     230     240     250     260

    410     420     430     440     450     460
inputs LVITNSARKSSSTVGEIVNLSVDAQRFDLATYINMIWSAPLQVILALYLLWNLGPSVL
      : . . . . .
      LKLN--IKEKSLGELINICSNDGQRMFBAAVGSLLAGGFVVAILGMIYNVILGPTGF
      270     280     290     300     310     320

    470     480     490     500     510     520
inputs AGVAVMLMVPVNAVMAKTKTYQVAHMKSKINRIKLMNEILNGIKVLKLYAWELAFKDK
      : . . . . .
  
```

FIGURE 2A


```

LGSVAVFILFYPAMMFASRLTAYFRRRCVAATDERVQKMEVLTYIKFIKMYAVWKAFSQS
      330      340      350      360      370      380

inputs  530      540      550      560      570      580
VLAIHQEELKVLKKSAYLSAVGTFWVCTPFLVALCTFAVYVTIDENNILDAQTAFVSLA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
VQKIREERRILEKAGYFQSITVGVAPIVVVVIASVVTFSVHMTLGF--LTAAQAFTVVT
      390      400      410      420      430

inputs  590      600      610      620
LFNILRFPLNLPVVISSIVQASVSLKRLR-IPL-----SHEELE-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
VFNMTFALKVTPFSVKSLSSEASVAVDRPKSLFLMEVHMIKKNKPASPHIKIEMKNATLA
440      450      460      470      480      490

inputs  630      640      650
-----PDSIERRP-----VKDGGGTNSITVRN-----ATF-----TWARSD
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WDSSHSSSIONSPKLTFFMKKKDKRASRGKKEKVRQLQRTHEQAVLAEQKGLLLSDERPS
500      510      520      530      540      550

inputs  660      670      680      690      700
PP-----TLNGITFSIPEGALVAVVGQVCGKSSLLSALLAEMDKVEGH
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
PEEEEGKHIHLGHLRLQRTLHSIDLEIQEGKLVGICGSGVSGKTSLSAILGQMTLLEGS
560      570      580      590      600      610

inputs  710      720      730      740      750      760
VAIKGSVAVVPQAWIQNDSLRENILFGCQLEFPYRSVIQACALLPDLEILPSGDRTEI
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
IAISGTFAYVAQAWILNATLRNILFGKEYDEERYNSVLNSCCLRPDLAILPSSDLTEI
620      630      640      650      660      670

inputs  770      780      790      800      810      820
GEGVNLSSGQKQVRVSLARAVYSNADIYLFDDPLSAVDAHVGKHIFENVIGPKMLXNKT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
GERGANLSSGQQRQRI SLARALYSRDIYILDDPLSALDAHVCNHIFNSAI--RKHLKSKT
680      690      700      710      720      730

inputs  830      840      850      860      870      880
RILVTHSMSYLPQVDVIIVMSGCKISEMGSYQELLARDGAFELRTYASTEQEQAEEEN
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
VLFVTHQLQYLVDCEVIFMKEGCITERGTHEELMNLNGDYATIF-----NN
740      750      760      770      780

inputs  890      900      910      920      930      940
GVTGVSGPGKEAKQMENCLVTD SAGKQLRQLSSSSSYSGDISRHHNSTAELQKAEAKK
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
LLLGETPPVEINSKKE-----TSGSQKKSQDKGPKT--GSIKK-----EKA-VKP
790      800      810      820

inputs  950      960      970      980      990      1000
EETWKLMEADKAQTGQVKLSVYWDYMKAI GLFISPLSIF-LPMCNIHVSALASNYWLSLWT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
EEGQLVQLEEKQG--GSVPWSVYGVIQAAGGPLAFVIMALFMLNVGSTAFSTWWLSYWI
830      840      850      860      870      880

1010      1020      1030      1040

```

FIGURE 2B

